A SARS vírus genetikai állományának megfejtése

2003. április 7-én 1 órakor érkezett meg a SARS vírus tenyészete a Michael Smith Genomtudományi Központba. Öt nappal később a laboratórium elsőként hozta nyilvánosságra a vírus genetikai állományának nukleotidsorrendjét.

Idén áprilisban a Genomtudományi Központban (Genome Sciences Centre, azaz GSC) tettük közzé az első teljes génkészletszerkezetét annak a coronavírusnak, amely ismereteink szerint a Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) járvány okozója. A GSC-nél az 1999-es kezdetek óta minden vizsgálatot, tárolást és hálózati hátteret Linux-rendszerek alatt végeznek. A SARS vírus projektben az adatok tárolását, feldolgozását és nyilvánosságra hozását számos Linux-kiszolgáló végezte, kezdve a pehelysúlyú, de hasznos IBM x330-tól egészen a behemót nyolcutas Xeon x440-ig. A Linux által nyújtott rugalmas háttér lehetővé tette, hogy a megfejtési folyamat szinte minden lépését automatizáljuk. A Linux-közösség támogatásával és a hírcsoportok, webes cikkek és HOGYAN-ok segítségével hihetetlenül olcsón munkára tudtuk fogni a középkategóriás alkatrészeket.

A SARS első dokumentált megjelenése óta (2002. november 16.) a vírust összesen 8458 esetben észlelték Kínában (92%), Kanadában (3%), Szingapúrban (2%) és az Észak-Amerikai Egyesült Államokban (1%), valamint több mint 25 egyéb országban. A SARS halálozási esélye közelítőleg 5–10%, a 60 felettiek esetében azonban 50% körüli. 2003. június 24-re a SARS már 807 életet követelt, igen mély negatív hatást gyakorolva az érintett régiók gazdaságára – egyedül Kína több milliárd dollárt veszített turisztikai és adójövedelmeiből.

2003. március 27-én ***Marco Marra***, központunk igazgatója és ***Caroline Astell***, projektünk vezetője úgy döntött, hogy megfejti a SARS coronavírus genomjának szekvenciáját. 2003. április 7-én éjjel 1 órakor egy torontói páciensből származó vírus, a Tor2 izolátum genetikai anyagának közel 50 ng-ja érkezett a kanadai Winnipeg 4. szintű Nemzeti Mikrobiológiai Laboratóriumából. Öt nappal később, 2003. április 12-én a Tor2 (Tor2/SARS) coronavírus genetikai állományának 29751 nukleotidhosszúságú része már felkerült Apache kiszolgálónk Zope/Plone alapú oldalára – elérhetővé téve azt a teljes nyilvánosság számára. Néhány nappal később az úgynevezett Urbani izolátum szekvenciáját küldte el a CDC (Centers for Disease Control) Atlantából, Georgia államból.

A biológia virágzásnak indul

Az 1990-es évek előtt nem létezett olyan módszer, amellyel nagy mennyiségű nukleotidsorrend-adatot gyorsan meg lehetett volna határozni. Az Emberi Genom Projekt (Human Genome Project, azaz HGP) 1991-ben kezdődött, és 1999-re a sorrendnek mindössze 15 százalékát sikerült megfejteni. Ugyanakkor az 1990-es években kifejlesztett új módszereknek hála a HGP gyorsan közeledett a befejezés felé. 2000 közepe táján az emberi szekvencia kilencven százaléka már elérhető volt, és mostanra az emberi génállomány nukleotidsorrendje lényegében rendelkezésünkre áll. A HGP-hez hasonló projektek eredményei nyilvánosan is elérhetők az NCBI GenBank oldalain.

Működésének első tíz éve során (1982–1992) a Génbank valamivel több mint 100 MB-nyi szekvenciát gyűjtött össze 80 ezer bejegyzésben. A következő évtizedben (1992–2002) a GenBank rakétasebességgel növekedésnek indult, és az adatbázis elérte a 29 GB-ot – az emberi genom tízszeresét – 22 millió bejegyzésbe szedve. A Génbank minden nap tízezer bázissorrendadatot kap a világ különféle laborjaitól. Az egyik ilyen labor a GSC, amely 2003. április 13-án jelentette be a GenBankban a Tor2/SARS szekvenciáját. Ha kíváncsiak vagyunk, hogy milyen szerepet játszott a Linux abban folyamatban, amely végül a GI:29826276 számú bejegyzés megszületéséhez vezetett, vissza kell nyúlnunk a kezdetekig.

Parancssoros bioinformatika

Valósítsunk meg egy kis bioinformatikát a bash és néhány másik, a */bin* és */usr/bin* könyvtárban bujkáló program segítségével. A Tor2/SARS genom GC arányát fogjuk kiszámítani – azaz a G-C vagy C-G bázispárok részarányát. Hogy érdekes legyen a dolog, az `awk` programot nem fogjuk használni. Először is `wget`-tel töltsük le a sorozatot, a `-q` kapcsolóval csillapítva a kimenetét:

```
> wget -q
➥http://mkweb.bcgsc.ca/sars/AY274119.fa
> head AY274119.fa
gi|30248028|gb|AY274119.3| SARS coronavirus
➥TOR2
ATATTAGGTTTTTACCTACCCAGGA...
```

A nukleotidsorrend-fájlok FASTA formátumban vannak, amely a fejlécsort és magát a rögzített hosszúságú sorokra osztott nukleotidláncot tartalmazza. A következő kód megszámolja, hogy hány G és C található a láncban, majd az eredményt az összes bázis arányában jeleníti meg:

```
> grep -v "^>" AY274119.fa | fold -w 1 |
tr "ATGC" "..xx" | sort | uniq -c |
sed ´s/[^0-9]//g´ | t -s "\012" " " |
sed ´s/\([0-9]*\) \([0-9]*\)/scale = 3;
➥\2 \/ (\1+\2)/´ |
bc -i
scale = 3; 12127 / (17624+12127)
.407
```

Szekvenciánk 29 751 bázisából tehát 12 127 elem lesz akár G vagy C, így a GC-tartalom 41%-ra adódik.

1. kép Szekvenálólaborunk panorámája: *1.* folyamatoknak megfelelő vonalkódok, *2.* a Tango folyadékkezelő felület, *3.* -80° C-os mélyhűtők, *4.* áramforrások a PCR (polimeráz láncreakció) készülékekhez, *5.* ABI 3730XL szekvenátorok, *6.* ABI 3700 szekvenátorok, *7.* x330 vezérlőfürt, *8.* hálózati és áramcsatlakozók *9.* a szekvenátorok ventilátorjáratai

0-18 TB három év alatt

1999 júniusában a labor hat szép bézsszínű számítógépet és közel ugyanannyi embert alkalmazott. A központi fájlkiszolgáló (2×Pentium 3, 400 MHz, 512 MB RAM, Red Hat 5.2 és 2.0.36-os rendszermag) három RAID-0 18 GB SCSI-merevlemezt kezelt DPT IV kártyán keresztül. Újabb 50 GB programozott RAID került a második gépbe (Pentium III, 400 MHz). További három Linux-ügyféllel és egy Microsoft Windows NT állomással együtt alkották a BC Cancer Agency (BCCA) hálózatát. Megszületésünk időpontja nagy előnyünkre szolgált. Mint minden kutatólabor, mi is lemezeket osztunk meg, folyamatokat kezelünk, programokat fordítunk, valamint adatokat tárolunk és kezelünk. Más szavakkal: éppen olyasmit csinálunk, amiben a Unix kiváló. Ha két-három évvel korábban kezdünk, az akkor még ifjú Linux bevezetése nem lett volna könnyű. Így ma valószínűleg ahelyett, hogy az olcsó kiöregedett PC-inket irodába száműzzük vagy egyéb kevésbé nagyfokú hálózati feladatokra osztjuk be, megpróbálhatnánk a legjobb árat kapni az igen jelentős összegekbe került, már kiöregedett Sun kiszolgálóinkért. Szerencsére kiderült, hogy lehetőségünk van viszonylag olcsó PC-ket vásárolni, majd Linuxot telepítve rájuk nagyméretű, rugalmas és elképesztően költséghatékony Unix-környezethez jutnunk. A Linuxnak köszönhetően többé már nem volt szükség rá, hogy egy ember fizetését Unix-munkaállomásokra költsük.

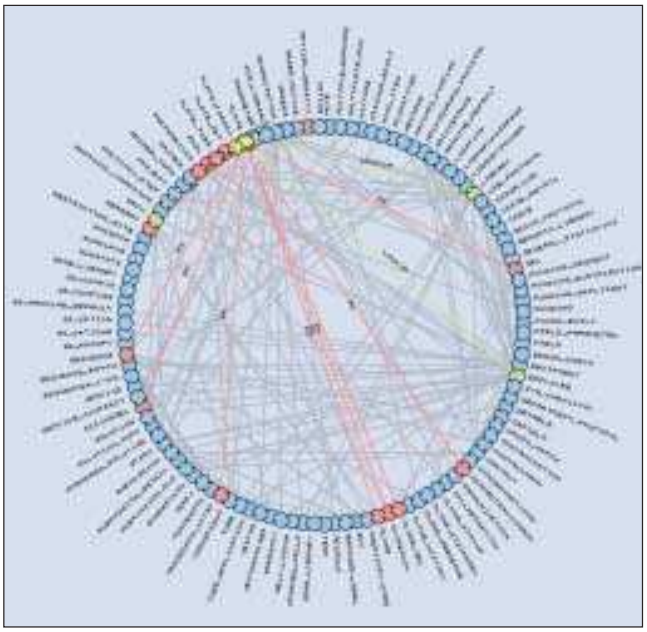
Éppen jó időben választottuk a Linuxot. A 2.0-s rendszermag sziklaszilárd volt; az NFS kiszolgáló megerősödött, és teljes értékű asztali környezetek között válogathattunk. A létfontosságú bioinformatikai analízis-eszközkészleteket letölthettük és lefordíthattuk. Ilyen például a nyílt forrású HGP: BLAST (sorrend-összehasonlító), a Phred (a szekvenátor által készített jelek értelmezése), a Phrap (sorrendek összeállítása) és a Consed (nukleotid- és aminosavsorrendek összeállításainak megjelenítése), továbbá néhány nukleinsav és fehérje-adatbázis. Természetesen a Perl volt a „mindenes” ezekben a műveletekben. A számítástechnikai munka elindításához igen kevés pénzt használtunk fel, így a nagy összegeket sokkal hatékonyabban költhettük a labor fejlesztésére (*1. kép*).

A Linux elcsípi a SARS-t

1999 őszén megkaptuk első automata DNS-szekvenátorunkat, egy MegaBACE 1000-est (*6. kép*). A szekvenátor segítségével egy DNS-mintában megállapítható a nukleotidok sorrendje, a módszer azonban jelenleg 5–800 bázis meghatározására korlátozódik egy időben. Ez az olvasási hossz jóval kisebb a jelenleg ismert legkisebb genomnál is (a Tor2/SARS mérete harmincezer nukleotid). Ezért az automata szekvenátor egyszerre 96 mintát kezel; vannak olyan típusok is, amelyekben egyszerre több, 96 vagy 384 mintahelyet (vályút) tartalmazó speciális lemez is elhelyezhető.

2. kép Első nemzedékbeli kiszolgáló-alkatrészek: *1.* VA Linux VAR900 2xXeon-500 1 TB felkínált tárhellyel, *2.* Raidion.u2w RAID-vezérlők, *3.* 2x8x36 GB SCSI lemez és *4.* VA Linux 2230-asok és 3x10x72 GB SCSI lemez

A MegaBACE egy SCSI-eszköz, az Applied Biosystems (ABI) 3700 és 3730XL szekvenátorok pedig (*6. kép*) soros felületen keresztül kezelhetőek, az adatokat viszont ethernetkapcsolaton keresztül küldik. Nagy mennyiségű adatot gyűjtenek önműködően, a hozzájuk tartozó program viszont egy mutass és kattints (point-and-click) Windows-alkalmazás. Az ABI gépek a hozzájuk adott helyi Oracle adatbázisba mentik az adatokat. Egy Unix alapú vezérlőprogram forradalmasítaná e gépek kihasználását, különösen a nagyobb laboratóriumokban. Máris sikerült csökkentenünk a 3700-es karbantartási munkáit azáltal, hogy az eredetileg a szekvenátorral szállított PC-t IBM x330-as gépre cseréltük (6. kép). A Windows alapú szekvenálórendszernek a linuxos hálózatunkba történő beillesztése remek munka volt az `smbmount`, az `rsync`, a Perl és az Apache számára. Az operátor minden egyes sorrend-meghatározási kör befejezésekor beindítja a webvezérlésű adattükrözési folya-



3. kép LIMS sémánk bemutatása. A lemeztábla (sárga) négy táblára hivatkozik (zöld), rá pedig 14 tábla hivatkozik (vörös)

4. kép A vonalkódokat hálózatba kötött Zebra nyomtatók készítik (bal oldalt). A LIMS hordozható felületét iPAQ-ek biztosítják (jobb oldalt)

matot, és az új adatokat a hálózati lemezekre másolja.
Tükrözés után az állományokat először a nyers szekvenálójel-formátumból átalakítjuk a tényleges nukleinsavbázisok jelévé és a hozzájuk tartozó minőségértékekké (a meghatározás biztonságának mértéke), majd MySQL-adatbázisban (3.23.55max) tároljuk őket. Ezzel a módszerrel eddig kétmillió sorrendet rögzítettünk, azaz körülbelül 1 TB nyers nukleotidsorrend-adatot.
A MySQL Laboratory Information Management System (LIMS) adatbázis központi szerepet tölt be a nukleotidsorrend megállapításának folyamataiban. Sémájában 115 táblát, 1171 mezőt és 195 idegen kulcsot találunk. Az adatbázis az összes, a laborral kapcsolatos összetevőt, felszerelést, folyamatot és műveletet követi. Különleges alkalmazáslogika és elnevezési szabályok segítségével sikerült áthidalnunk a MySQL hiányosságát, miszerint nem rendelkezik beépített idegenkulcs-kezeléssel. Az idegen kulcsokat `FKTYPE_TABLE__FIELD`-nek nevezzük, jelezve, hogy egy `TABLE_FIELD`.-re mutatnak a `TABLE` táblában. Az idegen kulcs nevének elhagyható `TYPE` részét akkor használjuk, ha több kulcs

5. kép A laborban szinte minden vonalkódokkal van ellátva

is mutat ugyanarra `TABLE_FIELD` mezőre.
A labor szakemberei vonalkódolvasóval kiegészített Wi-Fi Compaq iPAQ gépekkel tartják a kapcsolatot a LIMS adatbázissal (*4. kép*). Az iPAQ-ok a belső, saját `mod_perl` készlettel bővített Apache webkiszolgálónkra csatlakoznak. A különféle objektumok, azaz a megoldások, lemezek és felszerelések vonalkóddal vannak ellátva (*5. kép*). A vonalkódokat hálózatba kötött Zebra S600/96XiIII vonalkódnyomtatóval készítjük nagy ragadóképességű címkékre (4. kép), amelyek -80 °C (-112 °F) hőmérsékletű hűtőinkben is fennmaradnak. A vonalkódkészítő program Perlben íródott, a címkék formázására a ZPL nyomtatónyelvet használja, a nyomtatást pedig `lpr`-en keresztül osztja meg.
A MegaBACE 1000-es óta laboratóriumunkban a szekvenátorok három nemzedéke fordult már elő, és jelenleg már három ABI 3700-es és három ABI 3730XL gépet (6. kép) üzemeltetünk. A legfrissebb, az ABI 3730XL több 384 mintahelyes lapot képes befogadni, és 1152 DNS minta nukleotidsorrendjét határozza meg 24 óra alatt. Minden egyes minta 700–800, nagy biztonsággal azonosított bázist jelent. Egyetlen 3730XL körülbelül 800 ezer bázist olvas le naponta.
A Tor2/SARS genom nukleotidsorrendjének a megállapítását az úgynevezett teljes genomra irányuló (whole-genome shotgun, WGS) módszerrel végeztük. Ennél a megközelítésnél a genom véletlenszerűen kiemelt szakaszait szekvenáljuk redundáns módon, majd utólag állítjuk össze a teljes genomsorrendjét. Tekintve, hogy a szóban forgó vírus méretét körülbelül 30 ezer bázisra becsültük, a teljes genom leolvasásához legalább negyven szekvenciameghatározást kellett végrehajtani. Minthogy azonban a leolvasás véletlen régiókból történt, a minimális olvasásszámnál többet kellett végrehajtanunk, hogy elég átfedésünk legyen a teljes összeállításhoz. A redundancia miatt biztosabbak is lehetünk benne, hogy a genom egyes pozícióin valóban az adott bázist tartalmazó nukleotid áll.

6. kép
Szekvenátorok: 1. MegaBACE 1000, 2. a szekvenátor PC-je, 3. szünetmentes áramforrás, UPS, 4. a szekvenátor áramforrása, 5. ABI 3700-es szekvenátorok, 6. ABI 3730XL és 7. x330 fürt

A bézs besötétedik

Amikor első IBM x330 kiszolgálóinkat vásároltuk, amelyek ma már egy 168 CPU-t tartalmazó fürt részei (*7. kép*), az 1U felület volt a kereskedelmi off-the-shelf (COTS) kategória határa, ahonnan kezdve élvezni lehetett a COTS árait. Bézs-színű gépeinket többé már nem használjuk megosztott számításokra. A komoly terhelésnek alávetett termelési rendszereink, azaz az Apache és a MySQL, az IBM 4U x440s-eiben kaptak helyet, ezekben a nyolcutas hiperszálakkal (hyperthreading) és 8 GB memóriával ellátott Xeon-csomópontokban. A gépeken SuSE 8.1 fut – ez azon kevés terjesztés egyike, amelyik képes kezelni az IBM Summit lapkakészletét. A x440-es NUMA típusú gép, ahol négyprocesszoros modulonként 32 MB L4 gyorstár található, így az IBM Summit foltja nélkül a rendszermag csak két CPU-t lát. A SuSE 2.4.19 rendszermagja bigmem+Summit támogatással mind a nyolc processzor és a 8 GB memória használatát lehetővé tette. Ezek az x440-esek még a 2.5-ös rendszermagsorozatban megjelenő fejlett NUMA ütemező nélkül is igen hasznos igavonónak bizonyultak, és lehetővé tették, hogy nyolc BLAST folyamatot futtassunk párhuzamosan, miközben elegendő memóriánk marad a teljes emberi genom gyorstárazására a megosztott memóriában. Bárki, aki azt állítja, hogy a Linux még nem készült fel a Nagy Vasakra, meglepetésre számítson.

Mivel gyorsan növekedtünk, az NFS alrendszer kezdett problémássá válni. Egészen pontosan néhány gép összeomlott egy bizonyos NFS kiszolgáló–ügyfél-változat használata esetén. Bár tapasztalataink szerint az NFS-ügyfelek igen erőteljesek, a jelenlegi Linux NFS szolgáltatásokon azért van még mit csiszolni. A leggyorsabb NFS kiszolgálónk, egy IBM x342 (2xP3-1.24, 2GB RAM) sem volt képes

GSC MySQL LIMS

2,1 millió minőségi bázispárt tartalmazó 3250 szekvenciát gyűjtöttünk be, amelyeket a kezdeti vázlat összeszerkesztéséhez továbbítottunk. Ez körülbelül 70× fedi le redundáns módon a genomot. A WGS során általában csak 10×-es ismétléssel dolgozunk, de számunkra az időtényező volt a legfontosabb, így el akartuk kerülni az első sorrend-meghatározási körben nem teljesen lefedett részek miatt bekövetkező késlekedést.

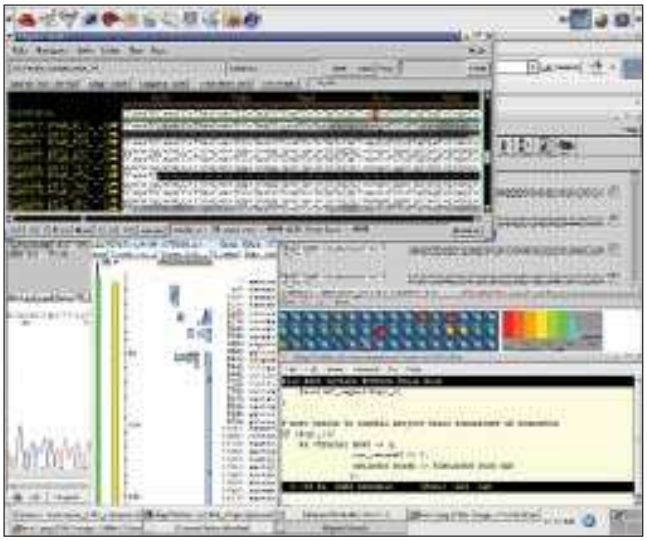
```
SELECT
SUM(Sequence_Length) AS bp_tot,
AVG(Quality_Length) AS bpq_avg,
SUM(Quality_Length) AS bp_qual_tot,
COUNT(Well) AS reads,
Sequence_DateTime AS date,
Equipment_Name AS equip
FROM
Equipment, Clone_Sequence, Sequence_Batch, Sequence,
Plate, Library, Project
WHERE FK_Sequence_Batch__ID=Sequence_Batch_ID AND
FK_Plate__ID=Plate_ID AND
FK_Library__Name=Library_Name AND
FK_Equipment__ID=Equipment_ID AND
FK_Project__ID=Project_ID AND
FK_Sequence__ID=Sequence_ID AND
Sequence_Subdirectory like "SARS2%" AND
Quality_Length > 100 AND
Sequence_DateTime < "20030413"
GROUP BY Sequence_ID ORDER BY Sequence_DateTime;

bp_tot bpq_avg  bp_tot reads  date              equip
437256 612.6399 205847 336 2003-04-11 21:07:06 SARS212.B21 D3730-3
412366 752.1074 245187 326 2003-04-11 22:15:34 SARS213.B21 D3730-1
269456 639.1926 225635 353 2003-04-11 22:22:34 SARS215.B21 D3700-6
130525 715.5060 118774 166 2003-04-11 22:25:44 SARS216.B21 D3700-5
282490 682.6311 249843 366 2003-04-11 22:27:14 SARS215.BR D3700-4
310119 612.7601 212015 346 2003-04-11 22:31:56 SARS213.BR D3700-1
182573 681.4975 136981 201 2003-04-11 22:36:40 SARS216.BR D3700-3
301471 642.2273 226064 352 2003-04-12 01:58:16 SARS212.BR D3700-2
401595 690.5204 220276 319 2003-04-12 05:13:26 SARS211.BR D3730-3
460100 642.0468 219580 342 2003-04-12 06:20:52 SARS214.BR D3730-2
182360 471.7832  67465 143 2003-04-12 07:14:44 SARS214.B21 D3730-1
```

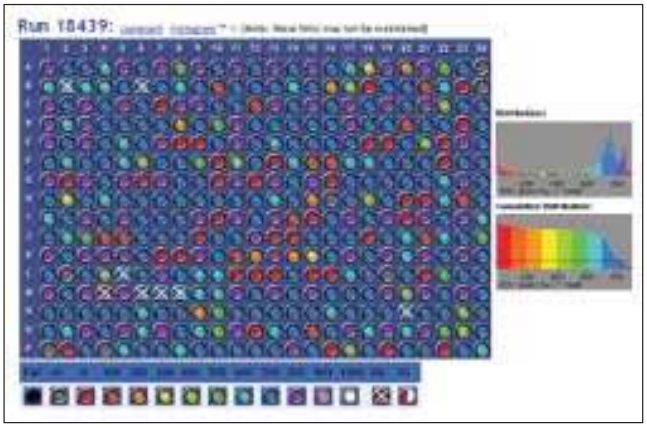
7. kép Számítási és tárolási hátér: 1. A kezdő lépések 2001 januárjában az x330 kiépítésében, *2.* 84 darab x330-as csomópontot és *3.* NetApp FAS960 filer és két IBM 3583 LTO egy x342-esen futó Veritasszal felügyelve és irányítva

4000-6000 NFS művelet/másodperc értéknél többre, különösen, ha nagy mennyiségű olvasási, illetve írási műveletet kapott a fürttől. A teljesítménykorlátok kezelésére beszereztünk egy NetApp FAS960 Filert (*7. kép*). 10 TB nyers tárkapacitása mellett (5×14×144 GB) a filer elérte a 30 000 NFS művelet/másodperc teljesítményt. Az NFS gondok ellenére az eredeti VAR900 termelési kiszolgálónk (*2. kép*) a megbízhatóság mintaképe lett, és 2002 februárjában elérte a 394 napos működési időt, amikor is fejlesztés miatt újraindítottuk.

8. kép A BLAST-lekérdezés legjobb találata



9. kép Nukleotidsorrend vizsgálata Linux munkakörnyezetben



10. kép Az egyik SARS-lemez szekvenciáinak minőségi értékei

Az első Tor2/SARS-adatok 2003. április 11-én, pénteken kerültek információs csoportunkhoz elemzésre. A szekvenálás helyességének igazolására ellenőriztük az esetleges szennyezettséget. BLAST keresés segítségével meg tudtuk határozni, hogy milyen legközelebbi egyezést mutat nyilvános fehérje- (proteom) és nukleinsav- (genom) adatbázisokkal. Nagy megkönnyebbülésünkre a legjobb találatot a szarvasmarha coronavírus adta (*8. kép*), ami azt jelentette, hogy valóban olyasmit szekvenáltunk, aminek köze van a coronavírusokhoz. Ezeknek a vírusoknak A- (adenin-) sorozattal zárul a sorrendje, így amikor megláttuk, hogy bizonyos leolvasások poly-A „farokban” végződnek, bíztunk benne, hogy azok a genom egyik végét jelentették.

A SARS adatainak összeállítására és vizsgálatára az x330-asokat és az x440-est használtuk. A genom nem túl nagy, így az összeállítása egyetlen CPU-n nem vett többet igénybe 15 percnél. Összehasonlításképpen, az emberi genom első nyilvánosságra hozott sorrendje 300 000-szer volt nagyobb a Tor2/SARS méreténél, és az összeállítása négy napon keresztül folyt az UCSC-nél, egy százprocesszoros Linux-fürtön. 2003. április 12-én szombat éjjel 2:25-órakor befejeztük a Tor2/SARS összeállításának hetedik ismétlését, és ezt az állapotot fogadtuk el az első érvényes vázlatként. Ezt importáltuk az AceDB-be, hogy lássuk, mennyire illeszkedik a már ismert proteinkészletekhez (*9. kép*). A szombatot az összeállításunk kiértékelésével töltöttük, amit aztán egy nappal később az x440-esünk saját, Zope/Plone alapú CMS rendszert futtató nyilvános webkiszolgálójára tettünk fel.

Összegzés

A Tor2/SARS genomját egy negyedik, újfajta coronavírus-csoport tagjaként azonosítottuk, ami információt szolgáltat diagnózisteszthez, a jövőben pedig esetleges terápia kifejlesztéséhez, beleértve oltóanyag előállítását is. A Linux lehetővé tette, hogy célunkat úgy érjük el, hogy közben nem kell egy vagyont költenünk eszközökre és programokra. Tömegcikként gyártott alkatrészek beépítésével elkerülhettük a hosszú megvalósulási idő miatt bekövetkező értékcsökkenést. Figyelni fogjuk az újonnan felmerülő hibákat, mindeközben MySQL adatbázisunk tárt kapukkal várja az új szekvenciákat.

Köszönetnyilvánítás

A szerzők szeretnének köszönetet mondani ***Marco Marra, Steven Jones, Caroline Astell, Rob Holt, Angela Brooks-Wilson, Jas Khattra, Jennifer Asano, Sarah Barber, Susanna Chan, Allison Cloutier, Sean Coughlin, Doug Freeman, Noreen Girn, Obi Griffith, Steve Leach, Mike Mayo, Helen McDonald, Steven Montgomery, Pawan Pandoh, Anca Petrescu, Gord Robertson, Jacquie Schein, Asim Siddiqui, Duane Smailus, Jeff Stott*** és ***George Yang*** hölgyeknek és uraknak tudományos szaktudásukért, valamint laboratóriumi és bioinformatikai erőfeszítéseikért. Szeretnénk köszönetet mondani ***Kirk Schoeffelnek***, ***Mark Mayonak*** és ***Bernard Linek*** rendszerfelügyeleti tanácsaiért.

A cikkhez tartozó Kapcsolódó címek az 54. CD Magazin/SARS könyvtárában találhatóak.

Linux Journal 2003. november, 115. szám

Martin Krzywinski (martink@bcgsc.ca)
Bioinformatikai kutató a kanadai Michael Smith Genomtudományi Központban. Idejét fizikai hozzárendelés és adatfeldolgozás-automatizálási kérdések megoldásával tölti a Perl nyelv segítségével.

Yaron Butterfield (ybutterf@bcgsc.ca)
A szekvenáló bioinformatikai csoportot vezeti a kanadai Michael Smith Genomtudományi Központban.